中華農業研究（Jour. Agric. Res. China）35（1）：1～10（1986）

大粒水稻之遺傳研究

Ⅰ.抽穗期、株高、每株穗數及一穗穎花數之遺傳[1]

郭益全　劉　清[2]

摘要：以包括親本與正反交組合之 9 × 9 全互交 F_1 材料探討大粒水稻主要性狀之遺傳。抽穗期、株高、每株穗數及一穗穎花數等 4 個重要農藝性狀親本間遺傳變異均極大，此變異係由累加性與顯性效應所引起。除抽穗期外，餘 3 性狀之累加性效應均遠大於顯性效應。4 個重要農藝性狀之狹義遺傳率均頗高，指出 4 性狀之表現型變異主由累加性效應控制。4 個重要農藝性狀均發現有細胞質效應。經由迴歸與變方分析估得 4 個性狀之顯性程度除抽穗期爲完全顯性外，餘均爲部分或不完全顯性，正負等位基因之頻度在親本間之分布不等，且顯性基因多於隱性基因數。而藉迴歸圖析及親本顯性次序之判定，抽穗期早者爲顯性，餘 3 性狀之顯性方向是爲雙方向。

水稻之粒重受稻殼內外穎大小之體積限制[20,26]，是較穩定的品種特性之一。IRRI 世界性14,128個稻種源蒐集顯示，單穀粒重之變域介於6-52 mg之間[14]，而栽培品種之單穀粒重一般則多在25 mg左右。國外研究顯示，穀粒大小（grain size）與穀粒充實速率及充實期間呈極著之正相關[9,14,15,18]，同時澱粉累積效率，產量潛能（yield potential）及積儲對供源比（sink-to-source ratio，抽穗開花時產量潛能與葉面積指數之比值）等生理性狀並皆以大粒種爲佳[14,15]。IRRI[15] 更進一步指出較大穀粒之選拔爲提高現行品種產量潛能的可能途徑之一，並估得達最高產量之合適穀粒大小爲千粒重39 g。國內數據發現[22]，臺中地區一期作水稻成熟時，莖稈所含非構造性碳水化合物（total nonstructural carbohydrates, TNC)量最高可達全株總量之20%，因而 Wei *et al*.[22] 認爲如能增大穗部容積，產量應有再大幅提高之可能。經進一步比較大及中粒稻穀粒充實期間的淨乾物質與非構造性碳水化合物之生成量，獲證兩類品種穗部主要成分之絕對轉流量以大粒品種爲佳。亦即綜合上述系列研究結果認爲經由增大穀粒體積謀求稻作增產有其理論基礎[23]。

Fujita *et al*.[9] 認爲現有可利用之大粒品種，其株高概大高，而易於抽穗後倒伏。IRRI 考慮抽穗前穗發育與營養器官光合物之分配，建議現存大粒品種須降低株高[15]。Wei *et al*.[23] 發現大粒種 Mira 單一分蘖之生產力雖高，但集團乾物質產量則較中粒種少。而穀粒趨大則或穗數趨少[17,23] 亦或穎花數減少[7,14,15,23]。大粒品種穀粒之含氮量雖較中粒品種爲佳[14]，但對抽穗前之預貯物質的依賴亦較高[7]。魏及劉[7] 則指出應選取短稈與分蘖性强之大粒種源爲育種材料。亦即現有大粒品種尚不能直接利用，而須加以改良。

基於大粒種源之利用被認爲是超高產水稻品種選育之最可能途徑之一，乃選用各農藝、產量及穀粒性狀差異頗大之 9 個水稻品種進行本項遺傳研究，本文首先探討抽穗期、株高、每株穗數及一穗穎花數之遺傳行爲，至於穀粒性狀、經濟產量、生物產量及收穫指數等性狀之遺傳，則另文陸續報告，

1.臺灣省農業試驗所　研究報告第 1255 號。

2.本所農藝系助理研究員及研究員。臺灣省　臺中縣　霧峰鄉。

供爲日後大粒水稻育種之參考。

材料與方法

全互交親本計有越光、豐錦、臺農67號、臺中65號 、GP199、Pegonil、Khaokhaonio、Pb 及 Nakkhaongo等 9 個水稻品種。

其包括正反交之72個F_1組合及 9 個親本於1984年一期作被培植於本所萬豐試驗農場。田間規劃則採用逢機完全區集設計（RCBD），2 重複。每小區插植 5 行，每行12株，行株距 25×25cm。肥料用量 $N—P_2O_5—K_2O$ 依次爲80—40—50kg/ha 。生育期中，調查每小區去除邊行及頭尾株後中間30株每單株之抽穗期。適期收穫前並調查此30單株之株高及穗數，其後以單株爲收穫單位，收穫各單株之整個地上部分，經日光乾燥後，先秤量各單株之生物產量，再逐株分別脫粒，調查各單株之一穗穎花數、經濟產量，並估算收穫指數。至於每株穀粒長、寬及長寬比等性狀，則是每單株稻穀去殼後逢機10個糙米之平均，百粒重則是每單株逢機200粒糙米之均值。 9 個親本抽穗期、株高、每株穗數及一穗穎花數等 4 個性狀之表現如表1.所示。

Table 1. Mean values of four agronomic traits of nine parental cultivars of rice

Parents	Heading date (day)	Plant height (cm)	Panicle number	Spikelet number
Koshihikari	79.5	95.2	16.6	90.4
Toyonishiki	88.0	94.8	13.2	101.1
Tainung No. 67	96.5	102.7	12.0	105.6
Taichung No. 65	93.5	110.6	11.8	87.0
GP 199	97.0	156.9	6.0	66.2
Pegonil	85.5	98.2	8.6	69.4
Khaokhaonio	85.0	118.2	8.1	61.7
Pb	88.0	134.5	8.0	47.2
Nakkhaongo	79.0	104.3	8.9	69.4

全互交各遺傳介値之分析與估計係按 Hayman[12,13] 氏之理論進行，廣義及狹義遺傳率則依據 Mather and Jinks[19] 之公式估計。

結 果

供試材料抽穗期、株高、每株穗數及一穗穎花數等 4 個性狀經藉 Hayman[12] 氏全互交變方分析所作各該性狀遺傳變因的初步描述如表 2 所示 。 由表 2 發現抽穗期等 4 個性狀之 a 變因均達極顯著水準 ，可知抽穗期等 4 個性狀在供試全互交親本間 ，有極大之遺傳變異存在 。 且 b 變因亦皆極顯著，此表示這些性狀遺傳基因之若干基因座上，顯性因子擔任相當重要之角色。測定 F_1 與其中間親本平均偏差之 b_1 變因，4 性狀中，除抽穗期顯著外，其餘 3 性狀均不顯著，顯示有關抽穗期遺傳基因之顯性效應爲單方向，而株高、每株穗數及一穗穎花數等 3 性狀之顯性效應，則可能是雙方向。 4 個主要農藝性狀之 b_2 變因均極顯著，顯示 4 性狀之顯性效應部分係由正負效應基因在親本間之分布不均勻或不對稱所致。 b_3 變因極顯著，證實尚存有不歸諸於 b_1 及 b_2 變因之顯性效應，亦即累加性與累加性、累加性與顯性及顯性與顯性等三類非等位基因間之交感作用亦包含在此 9 × 9 之全互交組合中。 c 變因爲每一親本之平均母性效應 (maternal effect), d 變因爲未歸屬於 c 變因之正反

交差異。由表2知，4個性狀之 c 變因均極顯著， d 變因則僅每株穗數及一穗穎花數等兩性狀顯著，因知雌親之細胞質可能性影響到此4個農藝性狀之表現。

Table 2. Analysis of variance for four agronomic traits in 9×9 diallel of rice

Source of variance	D. F.	Heading date	Plant height	Panicle number	Spikelet number
Block	1	—	—	—	—
Treatment	80	**	**	**	**
a	8	**	**	**	**
b	36	**	**	**	**
b_1	1	**	ns	ns	ns
b_2	8	**	**	**	**
b_3	27	**	**	**	**
c	8	**	**	**	**
d	28	ns	ns	**	**
Error	80				
Total	161				

** : Statistically significant at 1% probability level.
ns : Non-significant

4個農藝性狀 W_r+V_r 經純質性測驗（homogeneity test）結果，皆不顯著（數據未列出），表示本試驗之資料符合Hayman[12]氏之遺傳假說，乃進一步估計4性狀之遺傳成分(表3)及遺傳系統（表4），並繪製4性狀 W_r 依 V_r 而變之迴歸圖（圖1），以描述供試全互交親本之遺傳組成。

表3顯示抽穗期性狀之 D、H_1、H_2 及 h^2 等遺傳成分均極顯著，指出累加性（D）與顯性效應（H_1、H_2 及h^2）對稻株稻穗之抽出甚爲重要。D-H_1 爲負值，但不顯著，可知支配稻穗抽出之有關基因之顯性效應可能略大於累加性效應，但兩者之差異則並不顯著。F 成分爲極顯著之正值，顯示供試全互交親本遺傳體系中，顯性等位基因多於隱性等位基因。經藉迴歸圖解法與變方分析，估得本性狀之平均顯性程度 $(H_1/D)^{1/2}\fallingdotseq 1$(表4)；$W_r$ 依 V_r 而變之迴歸直線，切 W_r 軸於原點附近（圖1），指出諸全互交親本控制稻穗抽出之有關基因呈完全顯性。而提供評估親本間目標性狀正（u） 與負（v）等位基因平均頻度之 $H_2/4H_1$ 比值爲0.20（表4），遠低於正負等位基因平均頻度相等之極限值 0.25(u+v=1.0, uv=0.5×0.5=0.25)， 因認定親本間有關抽穗基因之正與負等位基因平均頻度分布不等。本性狀親本間所含顯隱基因總數之比值$K_d/K_r=1.48$，遠大於 1 ，即抽穗期性狀有關基因羣中，顯性基因數似較隱性基因數爲多。具顯性之基因羣數爲兩羣（$h^2/H_2=2.09\fallingdotseq 2$, ，表4）。供試全互交親本抽穗期均值（$Y_r$）與對應 W_r+V_r 值成極顯著之正相關（表4），表示 W_r+V_r 值增加時，隱性基因數相對增加。亦即抽穗日數增加，伴隨隱性基因數之增加。印證圖1知，本全互交供試親本中，抽穗期早者爲顯性，而諸親本有關抽穗期之顯性次序爲 691782435，而親本之表現次序則爲917628435（表1）。 本研究雖發現抽穗期之廣義遺傳率雖高，但因顯性效應與累加性效應相近（表3），故狹義遺傳率稍低。

水稻株高是一種與收穫指數、生育期間、氮肥反應及倒伏抵抗性有關之重要性狀。表3顯示本試

Table 3. Estimates of genetic components of variation and their standard deviations for four agronomic traits in 9×9 diallel of rice

Gentical component	Heading date	Plant height	Panicle number	Spikelet number
D	43.55** ± 3.11	431.66** ± 7.57	10.60** ± 0.23	374.54** ± 11.88
H_1	47.60** ± 6.86	76.94** ± 16.67	1.77** ± 0.51	93.30** ± 26.23
H_2	38.08** ± 5.90	55.17** ± 14.37	1.50** ± 0.44	69.01** ± 22.54
h^2	79.50** ± 3.95	1.23ns ± 9.63	1.52** ± 0.29	12.6 ns ± 15.10
F	17.74** ± 7.25	102.77** ± 17.67	2.68** ± 0.54	31.79** ± 7.72
E	0.45ns ± 0.98	3.17ns ± 2.40	0.19ns ± 0.07	4.56ns ± 3.76
D—H_1	— 4.04ns ± 5.83	354.42** ± 14.20	8.83** ± 0.43	281.24** ± 22.28

Table 4. Estimates of genetic systems for four agronomic traits in 9×9 diallel of rice

Estimate	Heading date	Plant height	Panicle number	Spikelet number
$(H_1/D)^{1/2}$				
By graphic	1.0535	0.4442	0.4627	0.5287
By variance	1.0454	0.4223	0.4086	0.4991
$H_2/4H_1$	0.20	0.18	0.21	0.18
K_d/K_r	1.48	1.79	1.90	1.19
h^2/H_2	2.09	0.02	1.01	0.18
Heritability (%)				
Broad-sence	98.4	98.4	95.8	97.8
Narrow-sence	63.9	91.2	87.8	89.4
r of $(W_r/V_r)/Y_r$	0.92**	— 0.12ns	0.54ns	0.64ns
Order of parental dominance	691782435[a]	891674352	618392745	789532641
Order of parental performance	917628435	587493612	123496785	321496578

*, ** : Statistically significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

ns : Non-significant.

a : Parent codes : 1-Koshihikari, 2-Toyonishiki, 3-Tainung No. 67, 4-Taichung No. 65, 5-GP 199, 6-Pegonil, 7-Khaokhaonio, 8-Pb, 9-Nakkhaongo.

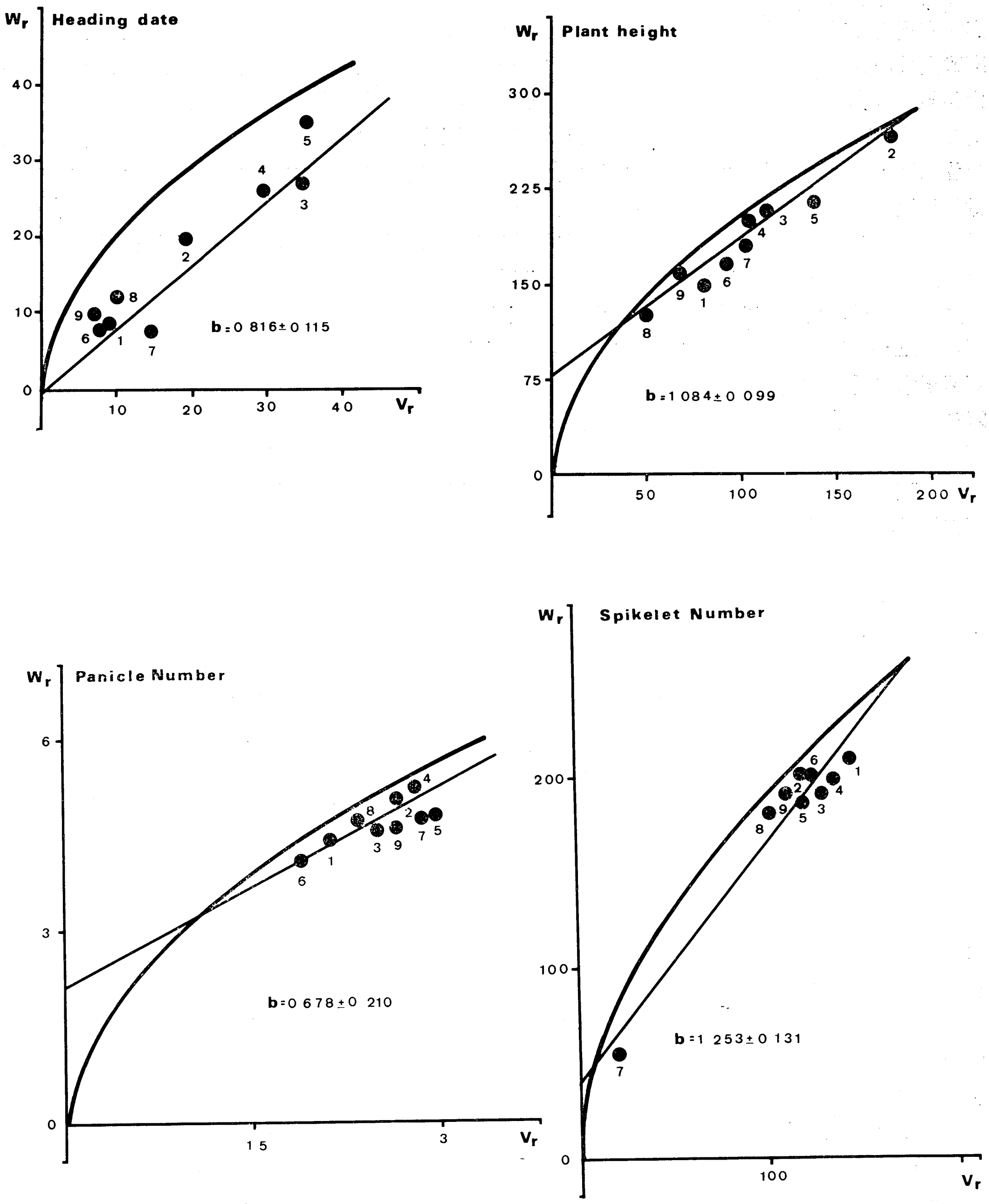

Fig. 1. W_r/V_r graphs for four agronomic traits.

Parent codes : 1-Koshihikari, 2-Toyonishiki, 3-Tainung No. 67, 4-Taichung No. 65, 5-GP 199, 6-Pegonil, 7-Khaokhaonio, 8-Pb, 9-Nakkhaongo.

驗株高性狀之累加性（D）與顯性效應（H_1 及 H_2）均極顯著，顯示累加性效應與顯性效應對水稻株高之表現至爲重要。 而 $D-H_1$ 爲極顯著之正值，可知，控制株高表現之有關基因效應中，累加性效應遠大於顯性效應。 H_1 成分與 H_2 成分值不等，而提供評估親本間正負等位基因平均頻度是否相等之估值 $H_2/4H_1=0.18$（表４），異於極限值 0.25，指出親本間有關株高基因之正與負等位基因平均頻度分布不等，F 成分爲極顯著之正值，顯示供試全互交親本遺傳體系中，顯性等位基因多於隱性等位基因，此與親本顯隱基因總數比值 $K_d/K_r=1.79$ ，所蘊含株高性狀有關基因羣中，顯性基因總數較隱性基因總數多之訊息相呼應。經藉迴歸圖解及變方分析估得本性狀之平均顯性程度 $(H_1/D)^{1/2}$ 值介於零與１之間； W_r 依 V_r 而變之迴歸直線切 W_r 軸於原點上方，提示諸全互交親本控制株高表現之有關基因呈部分或不完全顯性。供試全互交親本株高性狀之親本均值（Y_r） 與對應 W_r+V_r 值之相關值爲負值，但不顯著，此表示諸供試全互交親本有關株高之遺傳體系中，顯性方向爲兩方向（ambidirection）。 印證圖１及表１知，在本全互交親本中，中等株高對高者及低者爲相對顯性，而諸親本有關株高之顯性次序爲891674352，親本之表現次序則爲587493612（表１）。本性狀顯性基因羣數估值 $h^2/H_2=0.02 \div 0$， 表示株高性狀似無主效基因羣存在。按當有關基因僅具些許顯性或無顯性（little or no dominance）時，此值不易檢出[21]； 而當諸顯性基因效應符號正負相異時[21]、或有互補基因作用時[13]、或 n 個基因座之效應不等及或爲非單方向顯性時[4]，此值易被低估。本研究結果株高之廣義及狹義遺傳率值均高，提示本性狀之表現型變異，基因之累加性效應爲主要之遺傳成分。

穗數是水稻產量構成要素之主要性狀之一。由表３知本試驗穗數性狀之累加性（D）與顯性（H_1、H_2 及 h^2）效應均極顯著，指出累加性效應與顯性效應對水稻穗數之表現相當重要。 $D-H_1$ 爲正值，且極顯著地異於零，因知控制穗數表現之有關基因效應中，累加性效應遠大於顯性效應。F 成分爲極顯著之正值，表示供試全互交諸親本遺傳體系中，顯性等位基因多於隱性等位基因。經藉迴歸圖析及變方分析估得本性狀之平均顯性程度 $(H_1/D)^{1/2}$ 值，介於１與零之間（表４）； W_r 依 V_r 而變之迴歸直線切 W_r 軸於原點上方（圖１）， 提示支配穗數表現之有關基因呈部分或不完全顯性。提供評估親本目標性狀正負等位基因平均頻度是否相等之估值 $H_2/4H_1=0.21$（表４），異於極限值 0.25，表示諸親本間支配穗數表現有關基因之正與負等位基因平均頻度分布不等。親本間支配穗數表現有關基因顯隱基因總數之比值 $K_d/K_r=1.90$ ，幾近於２，即穗數有關基因羣中，顯性基因總數幾爲隱性基因總數之兩倍。供試全互交親本穗數性狀之親本均值（Y_r）與對應之 W_r+V_r值之相關係數爲正值，但不顯著，顯示本研究有關穗數遺傳體系中，顯性方向爲雙方向，印證圖１及表１知穗數少者與穗數多者對穗數中等者爲相對顯性，而諸親本有關穗數之顯性次序爲618392745（圖１）， 而親本之表現次序爲123496785（表１）。本性狀具顯性主效基因羣數估值（h^2/H_2）爲1.01，表示本性狀應有一羣主效顯性基因羣。按當 n 個基因座爲非單方向顯性時，此主效顯性基因羣數易低估[4]。表４數據顯示穗數之廣及狹義遺傳率均高，有利選拔效果之確保。

一穗穎花數在稻株抽穗前32-35天決定，且受氮肥及日照之影響[20]， 是水稻產量構成要素之一。表３數據顯示供試諸全互交親本一穗穎花數之累加性效應（D）與顯性效應（H_1 及 H_2）極顯著，表示累加性效應與顯性效應，對水稻一穗穎花數之表現至爲重要。 $D-H_1$ 爲正值，且極顯著地異於零，肯定支配水稻一穗穎花數表現之有關基因效應中，累加性效應遠大於顯性效應。F成分爲極顯著之正值，表示供試全互交諸親本遺傳體系中，支配一穗穎花數之顯性等位基因多於隱性等位基因。經藉迴歸圖析及變方分析估得本性狀之平均顯性程度 $(H_1/D)^{1/2}$值介於１與零之間（表４）；W_r 依V_r 而變之迴歸直線切 W_r 軸於原點上方（圖１）， 指出控制一穗穎花數表現之有關基因呈部分或不完全顯性。用於評估親本目標性狀正負等位基因平均頻度是否相等之 $H_2/4H_1=0.18$，低於極限值0.25，表示親本間支配一穗穎花數表現有關基因之正與負等位基因平均分布不等 ， 而支配本性狀之顯性基因總數可能略多於隱性基因總數（ $K_d/K_r=1.19$）。 參試親本之一穗穎花數之親本均值（Y_r）與

對應 W_r+V_r 值之相關值爲正值，但不顯著，表示支配一穗穎花數之遺傳體系中，顯性方向可能不爲單方向，經印證圖1及表1，推定一穗穎花數少者對多者應屬相對顯性。本性狀親本顯性次序爲789532641（圖1），表現次序則爲321496578（表1）。具顯性效應支配一穗穎花數表現之主效基因羣雖無法估出（$h^2/H_2=0.18$），但本性狀之廣及狹義遺傳率均頗高。

討　論

臺灣近年來雖因稻穀生產過剩而積極推行稻田轉作，但一個個更豐產稻品種之育成仍是稻作育種之最重要目標之一。要增加水稻之產量可經由提高產量構成要素中之任一個性狀，但不影響其他要素之表現而達成。松尾[6]認爲大粒爲最可能的高產要素，許多研究指出[9,14,15,16,18,23]大粒水稻之穀粒充實期間、穀粒充實速率、澱粉累積效率、積儲供源比、穗部主要成分絕對轉流量等生理特性均以大粒種爲優，而由於現行中粒品種成熟收穫後尚有全株總量 20% 之非構造性碳水化合物殘於留莖稈中[22]，故認爲經由增大穀粒體積謀求稻作增產有其理論基礎[23]。最近林[3]育成大粒豐產的臺中秈17號，由實際育種行爲確證增大穀粒體積提高稻作產量之可行性。基於大粒種源之利用確爲超高產水稻品種選育之最可能途徑之一，但由於大粒種源往往集團乾物質產量較少[22,23]，其或穎花數少[7,14,15,23]，或穗數少[7,23]，尚難直接利用。因此有關大粒水稻主要農藝性狀之遺傳研究，有待更進一步之研究，以期有助於大粒水稻品種之育成。

由於水稻品種對日照與溫度反應之不一，有關水稻抽穗期之遺傳殊有不同。據李[1]之歸納，近50年來有關水稻生育期之遺傳報告可綜合爲8類：①晚熟種爲顯性，F_2爲單性或雙性雜種分離。②早熟種爲顯性，F_2 呈單性或雙性雜種分離。③早熟性爲不完全顯性。F_1 介於兩親本間。F_2 或呈1早熟性：2中間性：1晚熟性；或呈數量因子控制。④同樣材料於某一季節呈完全顯性，但另一季節呈連續分佈之數量因子所控制，唯仍以早熟性爲顯性。⑤在自然日照下，強感光性爲顯性，F_2 呈單性雜種分離。⑥在自然日照下，不感光性爲顯性，F_2 呈單性雜種分離。⑦感光性與感溫性相互作用發生於其雜交之後裔中。⑧在自然日照下之抽穗期遺傳，與控制日照下之遺傳行爲結果不一致者。而本研究結果顯示，供試親本在本省自然環境下呈早熟者爲顯性，具有關基因羣數爲兩羣，遺傳率值極高。此結果與李[1]歸納之第二類、Wu[24]、曾[5]、Li and Chang[10]、Li[11]及李與李[2]等學者4×4或5×5全互交分析之結果相當一致。唯此在自然日照下之抽穗期遺傳，與控制日照下之遺傳行爲能否一致則未加探討。

同時，亦未仿李[1]將生育期分成基本營養生長期(basic vegetative phase, b. v. p.)、感光期(photoperiodic sensitive phase, p. s. p.)及感溫期(thermo-sensitive phase, t. s. p.)等三期進行較理論性之觀察，其原因乃本研究供試親本在本省兩期作自然條件下均能正常抽穗開花，故可推定供試親本對外在日照與溫度之反應概屬極弱或無，同時，本研究之結果旨在大粒豐產水稻育成之實際育種知識的提供，故未行生育期較理論性之探討。

據 Chang and Li[8]及 Jennings *et al.*[17] 對水稻株高遺傳研究之綜論知，株高之遺傳行爲實簡單中亦複雜，而源自低脚烏尖和矮脚尖之中國矮性基因，和經由誘變而得之矮性基因同爲隱性之主效基因，且此基因並不影響穗數及穎花數。有些研究發現株高屬數量遺傳[8,17]，有正反交之差異[8]，顯隱等位基因頻度相等[10,11]或不等[2,5,25]，株高高者具單方向顯性[2,5,10,11,24]，正負等位基因之相對頻度或不等[8]或相等[2,5,10,11,24]，累加性效應大於顯性效應[5,24]，遺傳率或高或低[2,5,8]。本研究之數據大致與此已發表之結果相近[2,5,8,24]。唯本研究中，不顯著之 b_1、r 及迴歸圖指出株高爲兩方向顯性，中等株高對高者及低者爲相對顯性，此與學者們[2,5,10,11,24]已發表報告之結果不同。

水稻之穗數是品種特性之一，與分蘗數有正的相關關係，而其出現與發育則受氮素之供應、日照及溫度等環境因素之影響[8]。早在1953年，Ramiah and Rao 即指出稻分蘗能力具數量性狀之本質，而 Wu[25]、Li and Chang[10]及 Li[11] 等水稻遺傳學者，利用 F_1 全互交材料分析獲知：穗

數主要受累加性基因（additive gene）控制，且穗數多者對穗數少者爲部分顯性，間亦有細胞質效應[5,25]。同時，不同之親本系列（parental array）間顯性方向及顯隱基因之比例亦有若干不同的變異存在[10,11,25]。由於水稻大粒品種有穗數趨少之現象，故本研究以穗數較多之中粒種和大粒種進行全互交，以探討此類雜交組合穗數之遺傳行爲，此結果大致與已發表之報告符合[5,10,11,25]。由於已發表報告槪爲粒重相近品種間之互交分析[10,11,25]，而本研究則爲不同粒重品種之全互交分析。故綜合已發表與本研究之結果似可推定，不同粒重間雜交後裔穗數性狀之遺傳行爲與相似粒重間雜交後裔穗數性狀之遺傳行爲似無不同。

大粒水稻品種也有穎花數趨少之現象，本研究以穎花數較多之中粒種與穎花數較少之大粒種雜交，9 個親本全互交分析結果顯示，支配水稻穎花數表現之有關基因效應中，累加性效應遠大於顯性效應，顯性基因多於隱性基因，呈部分或不完全顯性，顯性方向係兩向性；惟未能偵出具主效作用之基因羣。而與學者們[10,11,25]之研究指出，一穗穎花數係由累加性基因及部分顯性基因所控制，其羣數至少有 4 羣以上，數多者對數少者爲相對顯性，唯顯性方向因組合之不同而不同之結果大體一致。亦即大中粒種雜交後裔一穗穎花數之遺傳行爲大致與中粒種間之雜交者相似。

綜合 4 個被調查性狀遺傳行爲之檢討，雖然此 4 個被調查性狀之各有關支配基因之累加性效應與顯性效應之重要性不盡相同，遺傳系統亦有若干異同，但各性狀之廣義及狹義遺傳率値均頗高，顯示早期世代之選拔同具效率。

引用文獻

1.李成章・1972・水稻生育期遺傳研究之檢討。科學農業22（5—6）：302—310。

2.李國堅 李成章・1977・水稻數量性狀遺傳之研究。1.由全互交法分析五個農藝性狀的遺傳變異。國立中興大學農藝彙報2：55—66。

3.林再發・1984・水稻高產品種之選育特別論及臺中秈17號。臺中區農業改良場研究彙報8：29—40。

4.湯文通・1967・全互交法。作物育種之原理與實施。臺灣大學農學院。

5.曾美倉・1977・水稻粒重、粒型及其他數量性狀之全互交分析。臺灣大學農學院研究報告17（2）：78—90。

6.臺灣省農業試驗所・1982・稻作育種有關問題研究會會議記錄（油印本）。

7.魏夢麗 劉大江・1984・不同粒重水稻品種之農藝與生理性狀比較。中華農業研究33（4）：363—371。

8. Chang, T. T., and C. C. Li. 1980. Genetics and breeding. *In* Rice production and utilization (B. S. Luh ed.). pp 87-146. AVI, Westport, Conn. USA.

9. Fujita, K., V. P. Coronel, and S. Yoshida. 1984. Grian-filling characteristics of rice varieties(*Oryza sativa* L.) differing in grain size under controlled environmental conditions. Soil Sci. Plant Nutr. 30(3) : 445-454.

10. Li, C. C., and T. T. Chang. 1970. Diallel analysis of agronomic traits in rice (*Oryza sativa* L.). Bot. Bull. Acad. Sinica. 11(2) : 61-78.

11. Li, C. C. 1975. Diallel analysis of yield and its components traits in rice (*Oryza sativa* L.). J. Agric. Assoc. China (N. S.) 92 : 41-56.

12. Hayman, B. I. 1954. The analysis of variance of diallel table. Biometric 10 : 235-244.

13. Hayman, B. I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics 39 : 789-809.

14. International RiceResearch Institute. 1977. Annual report for 1976. pp 22-23. IRRI. Los Banos, Philippines.

15. International Rice Research Institute. 1978. Annual report for 1977. pp 18-19. IRRI. Los Banos, Philippines.

16. International Rice Research Institute. 1979. Annual report for 1978. p 13. IRRI. Los Banos, Philippines.

17. Jennings, P. R., W. R. Coffman, and H. E. Kauffman. 1979. Breeding for agronomic and morphological

characteristics. *In* Rice improvement. pp 79-99. IRRI. Los Banos, Philippines.

18. Jones, D. B., M. L. Peterson, and S. Geng. 1979. Association between grain filling rate and duration and yield components in rice. Crop Sci. 19 : 641-644.
19. Mather, K., and J. L. Jinks. 1971. Diallels *In* Biometerical genetics. pp 249-284. Cornell Univ. Press, Ithaca USA.
20. Murata, Y. and S. Matsushima. 1975. Rice *In* Crop physiology-some case histories (L. T. Evans ed.). Cambridge Univ. Press, London.
21. Povilaitis, B. 1966. Diallel cross analysis of quantitative characters in tobacco. Can. J. Genet. Cytol. 8 : 336-345.
22. Wei, M. L., M. C. Shen, C. S. Chen, and D. J. Liu. 1982. Physiological studies of rice tillers. I. Partition of dry matter, nitrogen and total nonstructural carbohydrates during grain-filling. Proc. Natl. Sci. Counc. ROC(A) 6(3) : 190-196.
23. Wei. M. L., Y. C. Kuo, and D. J. Liu. 1984. Physiological studies of rice tillers. II. Productivity of varieties differing in grain volume. J. Agric. Res. Chin. 33(1) : 12-23.
24. Wu. H. P. 1968. Studies on the quantitative inheritance of *Oryza sativa* L. I. A diallel analysis of heading time and plant height in F_1 progeny. Bot. Bull. Acad. Sinica. 9 : 1-9.
25. Wu, H. P. 1968. Studies on the quantitative inheritance of *Oryza sativa* L. II. A dialell analysis for panicle number, tiller number, panicle length, spikelet number and the number of primary branch in F_1 Progeny. Bot. Bull. Acad. Sinica. 9 : 124-138.
26. Yoshida, S. 1979. Fundamental of rice science. p 63. IRRI. Los Banos, Philippines.

Genetic Studies on Larger Kernel Size of Rice

I. Inheritance of Heading Date, Plant Height, Panicle Number and Spikelet Number[1]

Yih-chuan Kuo and Ching Liu[2]

Summary

The inheritance of main characters of larger kernel size of rice were studied by means of a 9×9 diallel crosses including parents and reciprocal crosses. The genetic variations of four agronomic traits, heading date, plant height, panicle number and spikelet number, were significant among the parents. Both additive and dominance effects were important for all four agronomic traits. Furthermore, additive effects were significantly larger than dominance effects for all agronomic traits evaluated except for heading date. Estimated heritabilities for all agronomic traits were very high indicating that a major portion of phenotypic variability was controlled by additive effects. Maternal effects existed in all four agronomic traits. Degrees of dominance for four agronomic traits estimated by graphic and variance analyses showed partial or incomplete dominance except that heading date was complete dominance. The average frequencies of positive and negative alleles in parents were not equal and the number of dominant genes exceeded recessive genes for four agronomic traits. Directions of dominance evaluated by regression plotting and correlation coefficient between Y_r and (W_r+V_r) were toward early maturity for heading date and ambidirections for the others agronomic traits.

---

1. Contribution No. 1255 form Taiwan Agricultural Research Institute.

2. Assistant Agronomist and Senior Statistician, respectively, Department of Agronomy, TARI, Wufeng, Taichung Hsien, Taiwan 431, ROC.